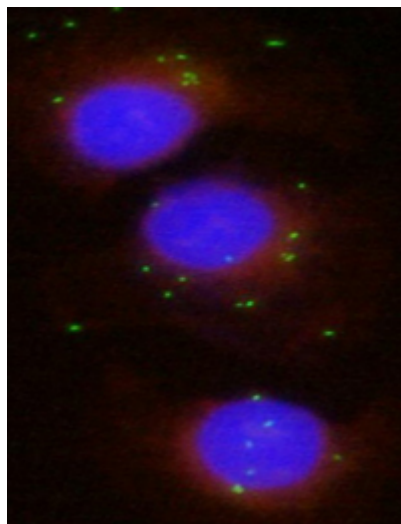


Haemophilus parasuis: un bacteri amb recursos genètics

02/2009 - Ciència Animal.

Mitjançant tècniques de genòmica comparativa, l'article següent intenta dilucidar si les soques patògenes del bacteri *Haemophilus parasuis* posseeixen gens que puguin induir la malaltia de Glässer. Un mal que afecta habitualment a garrins criats en granges, i que es caracteritza per la disseminació del bacteri a partir del tracte respiratori superior cap a diversos teixits causant greus inflamacions i, sovint, meningitis. Mitjançant l'estudi genòmic comparatiu de gran part del genoma de la soca patògena Nagasaki, i la tècnica d'hibridació del DNA en microarrays, s'ha pogut confirmar que les soques patògenes d'*H. parasuis* posseeixen proteïnes AT-2, les encarregades de permetre al bacteri adherir-se als teixits i disseminar-se amb facilitat en l'organisme. Aquest resultat, i d'altres, han permès dissenyar un assaig molecular simple que permeti distingir quines són les possibles soques patògenes del bacteri, i desenvolupar futures vacunes.



Interacció d'*H. parasuis* (fluorescència verda) amb cèl·lules epitelials.

El bacteri *Haemophilus parasuis* (*H. parasuis*) causa la malaltia de Glässer en porcs afectant particularment garrins en granges en les quals es practica el deslletament precoç. *H. parasuis* provoca inflamacions molt importants de diferents teixits, i sovint causa meningitis.

El bacteri es troba freqüentment al tracte respiratori superior dels porcs, però no tots les soques són capaces d'induir la malaltia. A la llum d'aquests resultats plantejem la hipòtesi que contràriament a les soques no patògenes, les soques patògenes (que provoquen la malaltia) posseeixen un cert nombre de gens que podrien explicar la seva capacitat de penetració als teixits. Les tècniques de genòmica comparativa ofereixen la possibilitat d'explorar de manera exacta el contingut de gens de bacteris i s'han utilitzat dins d'aquest estudi. En una primera fase, es va secuenciar el 98% de la genoma de la soca Nagasaki que és altament patògena i es va procedir a desxifrar el seu contingut genètic. Es van identificar 13 gens que codifiquen per a autotransportadors trimèrics (AT-2). Aquestes proteïnes s'han caracteritzat en altres bacteris com *H. influenza* i són considerades com a factors de virulència essencials.

Els AT-2 són proteïnes exposades a la superfície dels bacteris i serveixen per adherir-los en teixits i afavorir la disseminació d'aquests microorganismes en l'hospedador. Per esbrinar si els gens que codifiquen per als AT-2 són presents o no en soques no patògenes es va utilitzar la tècnica d'hibridació del DNA en microarrays. Els gens (que estan constituïts pel DNA) descrits anteriorment es van dipositar en suports de vidre i es va investigar la seva capacitat d'unir-se al DNA d'altres soques d'*H. parasuis*. Si dos brins del DNA s'assemblen formen híbrids, i aquest assaig s'utilitza per dir si efectivament un gen està present o absent en altres bacteris. Els resultats van ser taxatius: totes les soques patògenes posseeixen AT-2 amb diversos graus de similitud amb la soca Nagasaki, mentre que les soques no patògenes estan desproveïdes d'aquests gens. Aquest descobriment explica en gran part perquè les soques patògenes poden colonitzar diversos teixits a l'organisme. En una segona fase, es van secuenciar els gens AT-2 procedents de diverses soques d'*H. parasuis* revelant la seva forma d'evolució.

Els gens AT-2 no simplement amplien la seva diversitat per mutació i duplicació en un mateix bacteri, sinó que també intercanvien mòduls entre diferents bacteris de la mateixa espècie. A partir d'aquests resultats bàsics s'ha desenvolupat un assaig molecular simple que permet distingir les soques d'*H. parasuis* amb potencial patogènic. A més, els AT-2 podrien ser bons candidats per al desenvolupament de noves vacunes.

Albert Bensaid



Centre de Recerca en Sanitat Animal

Universitat Autònoma de Barcelona

Pina, S; Olvera, A; Barcelo, A; Bensaid, A. JOURNAL OF BACTERIOLOGY, 191 (2): 576-587 JAN 15 2009